

**WYDZIAŁ ROLNICTWA I BIOTECHNOLOGII
UNIwersYTET
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZY W BYDGOSZCZY
KOŁO NAUKOWE BIOTECHNOLOGII**

IX KONFERENCJA


**BIOTECHNOLOGIA:
DZIŚ NA UNIwersYTECIE
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZYM,
JUTRO W REGIONIE KUJAWSKO-POMORSKIM**

Streszczenia

Biotechnologia: dziś na Un

1.

Bydgoszcz, 3 czerwca 2011



WYDZIAŁ ROLNICTWA I BIOTECHNOLOGII
UNIwersytet
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZY W BYDGOSZCZY
KOŁO NAUKOWE BIOTECHNOLOGII

IX KONFERENCJA

BIOTECHNOLOGIA:
DZIŚ NA UNIwersYTECIE
TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZYM,
JUTRO W REGIONIE KUJAWSKO-POMORSKIM

Streszczenia

Biblioteka Główna UTP w Bydgoszczy



000000148119

Bydgoszcz, 3 czerwca 2011.

KOMITET HONOROWY

Prof. dr hab. inż. Janusz Prusiński
Prorektor ds. Dydaktycznych i Studenckich
Dr hab. Ewa Szychaj-Fabisiak, prof. nadzw. UTP
Dziekan Wydziału Rolnictwa i Biotechnologii
Dr Ryszard Zamorski
Prodziekan Wydziału Rolnictwa i Biotechnologii
ds. Dydaktycznych i Studenckich
Prof. dr hab. inż. Sławomir Zawisza
Prodziekan Wydziału Rolnictwa i Biotechnologii ds. Nauki

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodnicząca: prof. dr hab. inż. Elwira Śliwińska

Członkowie: dr inż. Iwona Jędrzejczyk
dr inż. Dorota Olszewska
dr inż. Anna Kisiąła
dr inż. Aleksandra Niklas-Nowak
mgr inż. Monika Rewers
Katarzyna Koczwarą
Małgorzata Iwańska
Agata Bator
Radosław Szarpatowski



97189

© Copyright

Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
Bydgoszcz 2011

Wydano za zgodą Rektora UTP

Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
Redaktor Naczelny

prof. dr hab. inż. Janusz Prusiński

ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz, tel.: 52 3749482, 3749426

e-mail: wydawucz@utp.edu.pl <http://www.wu.utp.edu.pl>

Wyd. I. Ark. aut. 2. Ark. druk. 3. Papier druk. kl. III.

Oddano do druku i druk ukończono w maju 2011 r. Zamówienie nr 4/2011

Zakład Małej Poligrafii UTP Bydgoszcz, ul. Ks. A. Kordeckiego 20

Sponsorami nagród IX Konferencji „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno-Przyrodniczym, jutro w regionie kujawsko-pomorskim” są:

abo

ul. Wichrowe Wzgórze 123
80-293 Gdańsk
Tel.: 58 341 21 43
Fax: 58 520 33 80
e-mail: abo@abo.com.pl
www.abo.com.pl



Roche Polska Sp. z o.o.

ul. Domaniewska 39 B
02-672 Warszawa
Tel.: 22 345 18 88
Fax: 22 345 18 74
e-mail: pl.kontakt@roche.com
www.roche.pl



Linegal Chemicals Sp. z o.o.

teren IChO PAN i IChF PAN
ul. Kasprzaka 44/52
01-224 Warszawa
Tel.: 22 631-16-27, 631-16-74, 631-72-81
Fax: 22 632-73-55
e-mail: info@linegal.com.pl,
linegal@linegal.com.pl
www.linegal.com.pl



linegal Chemicals[®]
Sp. z o.o.

Wydawnictwo Naukowe PWN S.A.
ul. Postępu 18
02-676 Warszawa
Tel.: 22 69 54 321
Fax: 22 69 54 288
www.pwn.pl



Patronat medialny nad Konferencją objęły:
Polskie Radio PIK oraz www.info.bydgoszcz.pl



Spis treści

WYDZIAŁ ROLNICTWA I BIOTECHNOLOGII

Katedra Biochemii

CZECHOWICZ MANIA, BOROWSKA KATARZYNA

Wpływ wartości nawozowej obornika na zawartość selenu ogółem i jego frakcji fitodostępnych w glebie pod uprawą jęczmienia jarego 9

GRABOWSKA MARLENA, BOROWSKA KATARZYNA

Wpływ wartości nawozowej obornika na zawartość selenu i jego frakcji fitoprzyswajalnych w glebie pod uprawą pszenicy ozimej 10

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej

BŁAŻEJCZAK EWA, SADOWSKI CZESŁAW

Wykorzystanie techniki PCR do określania przynależności gatunkowej i potencjalnej zdolności mikotoksynotwórczej izolatów *Fusarium sambucinum* (Fuckel) pochodzących z sucho gnijących bulw *Solanum tuberosum* 11

KOCZWARA KATARZYNA, PAŃKA DARIUSZ

Wykorzystanie metody PCR do identyfikacji endofita *Neotyphodium lolii* oraz jego wpływ na indukcję specyficznych mechanizmów obronnych w roślinie 12

LESZCZYŃSKA ANNA, ŁUKANOWSKI ALEKSANDER

Analiza molekularna ziarna pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.) inokulowanej *Fusarium graminearum* Schwabe, chronionej zróżnicowanymi dawkami fungicydów, pod kątem obecności genów warunkujących tworzenie mikotoksyn 13

ZAWADZKA KATARZYNA, BATURO-CIEŚNIEWSKA ANNA

Analiza molekularna ziarna pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) inokulowanej izolatami *Fusarium culmorum*, chronionej zróżnicowanymi dawkami fungicydów, pod kątem obecności genów warunkujących tworzenie mikotoksyn 14

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii

AUGUSTYNIAK MARTA, GATZ ANDRZEJ

Stymulacja eksplantatów merystematycznych i niemerysystematycznych siewek papryki odmiany Bryza w kierunku somatycznej embriogenezy *in vitro* 15

LEWICKA ALDONA, GATZ ANDRZEJ

Stymulacja eksplantatów z dojrzałych zarodków papryki
(*Capsicum annuum* L.) odmiany Bryza w kierunku somatycznej
embriogenezy w warunkach *in vitro* 16

SZARPATOWSKI RADOŚLAW, TROCZYŃSKA JOANNA

Wpływ AgNO₃ na transformację genetyczną gorczycy białej (*Sinapis
alba* L.) odmiany Nakielska za pomocą *Agrobacterium tumefaciens* 17

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin**BATOR AGATA, ŚLIWIŃSKA ELWIRA**

Cytometryczne badanie endoreduplikacji w siewkach jednorocznych
gatunków z rodziny *Fabaceae* 18

IWAŃSKA MAŁGORZATA, ŚLIWIŃSKA ELWIRA

Polisomatyczność w organach siewek roślin wieloletnich
z rodziny *Fabaceae* 19

KRAJEWSKI ANDRZEJ, OLSZEWSKA DOROTA, NOWACZYK PAWEŁ

Zmiany efektywności androgenozy u *Capsicum* spp.
pod wpływem 2,4-D 20

LEWIŃSKI PAWEŁ, OLSZEWSKA DOROTA

Wykorzystanie metody RAPD w analizie form mieszańcowych
Capsicum spp. 21

SENDEL SEBASTIAN, NOWACZYK PAWEŁ

Diploidyzacja androgenicznych roślin *in vitro* 22

STOJAK SYLWIA, NOWACZYK PAWEŁ

Zastosowanie techniki RAPD w identyfikacji form bliźniaczych
Capsicum annuum L. 23

WALC ANNA, NOWACZYK PAWEŁ

Wartość technologiczna form soft-flesh *Capsicum* spp. 24

WOLFF ŁUKASZ, OLSZEWSKA DOROTA, NOWACZYK PAWEŁ

2,4-D jako czynnik stymulujący androgenezę u *Capsicum* spp. 25

Katedra Mikrobiologii**DĘBSKI PAWEŁ, PALUSZAK ZBIGNIEW**

Inaktywacja drobnoustrojów w procesie fermentacji beztlenowej 26

SKRZYPEK MICHAŁ, BREZA-BORUTA BARBARA

Wpływ wybranych środków dezynfekcyjnych na ograniczenie chorób
grzybowych w uprawie pieczarki 27

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych

CHLEBEK JOANNA, ZALEWSKA MAŁGORZATA Regeneracja pędów przybyszowych z eksplantatów pierwotnych i wtórnych u chryzantemy wielkokwiatowej (<i>Chrysanthemum</i> × <i>grandiflorum</i> Ramat. /Kitam/)	28
FOLBORSKA ALICJA, LEMA-RUMIŃSKA JUSTYNA Zdolność do tworzenia zarodków somatycznych u chryzantemy wielkokwiatowej odmian Lady Rosy i Lady Salmon	29
KOZŁOWSKA KATARZYNA, LEMA-RUMIŃSKA JUSTYNA Zdolność do tworzenia zarodków somatycznych u chryzantemy wielkokwiatowej odmian Lady Apricot, Lady Bronze i Lady Orange	30
KULUS DARIUSZ, LEMA-RUMIŃSKA JUSTYNA Embriogeneza somatyczna u kaktusa z rodzaju <i>Astrophytum</i>	31
TRYBOBA JAKUB, DURAU BEATA Mikrorozmnażanie psianki ekwadorskiej (<i>Solanum quitoense</i> Lam.)	32
WOJCIECHOWSKA JOANNA, ZALEWSKA MAŁGORZATA Stabilność genetyczna w mikrorozmnażaniu chryzantemy wielkokwiatowej	33

WYDZIAŁ HODOWLI I BIOLOGII ZWIERZĄT

Katedra Biotechnologii Zwierząt

SAMEK KAMILA, BEDNARCZYK MAREK Liczba komórek blastodermalnych wskaźnikiem wczesnego rozwoju embrionalnego ptaków	34
ZWIEWKA PAULINA, SIWEK MARIA Diagnostyka molekularna mutacji BLAD i DUMPS u bydła hodowlanego w województwie kujawsko-pomorskim	35

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt

DALECKA KAROLINA, MARKOWSKA AGNIESZKA, WIŚNIEWSKA EWA, MROCZKOWSKI SŁAWOMIR Polimorfizm genu białka prionowego owiec	36
GADZINOWSKA JUDYTA, MILCZEWSKA AGATA, MROCZKOWSKI SŁAWOMIR Polimorfizm genu receptora prolaktyny i jego wpływ na cechy rozrodu loch rasy wielka biała polska	37
GOŁĘBIOWSKA DOROTA, SZKUDLAREK-KOWALCZYK MAGDALENA, MROCZKOWSKI SŁAWOMIR Polimorfizm genu kalpastatyny (CAST) w populacji merynosa polskiego	38

FRYMARSKI DAWID, BOHACZYK MARTA, MROCZKOWSKI SŁAWOMIR Polimorfizm genu leptyny w populacji koni zimnokrwistych	39
--	----

UNIwersytet KAZIMIERZA WIELKIEGO

WYDZIAŁ NAUK PRZYRODNICZYCH

Instytut Biologii Eksperymentalnej

DZIĘGIEL AGNIESZKA, MALECKA-ADAMOWICZ MARTA, DONDESKI WOJCIECH Ocena stanu mikrobiologicznego powietrza w centrum Bydgoszczy i dzielnicy Fordon	40
GÓRSKA BEATA, MIKUŁSKI DAWID, KŁOSOWSKI GRZEGORZ Wpływ zastosowania różnych form azotu oraz pożywek mineralnych na przebieg i wydajność fermentacji alkoholowej oraz skład lotnych produktów ubocznych	41
SONDEJ KRZYSZTOF, SZULCZEWSKA ALEKSANDRA, GOLDA RYSZARD Analiza występowania krążących kompleksów immunologicznych w surowicach zwierząt hodowlanych	42
SZULCZEWSKA ALEKSANDRA, SONDEJ KRZYSZTOF, GOLDA RYSZARD Próba izolacji i analizy występowania krążących kompleksów immunologicznych w mleku krowim	43

UNIwersytet MIKOŁAJA KOPERNIKA W TORUNIU COLLEGIUM MEDICUM W BYDGOSZCZY

WYDZIAŁ LEKARSKI

Katedra i Zakład Histologii i Embriologii

KRÓLIKOWSKA KORYNA, GRZANKA ALINA Wpływ łagodnej hipertermii na morfologię komórek linii białaczek ludzkich HL-60 i K-562	44
LEWANDOWSKI DAWID, GRZANKA ALINA Wpływ trójtlenku arsenu na ekspresję białka aktywny w linii komórkowej CHO AA8	45
Koło Naukowe Biotechnologii	46

Wpływ wartości nawozowej obornika na zawartość selenu ogółem i jego frakcji fitodostępnych w glebie pod uprawą jęczmienia jarego

MANIA CZECHOWICZ, KATARZYNA BOROWSKA

Katedra Biochemii

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8 85-029 Bydgoszcz

Z punktu widzenia potrzeb żywieniowych zwierząt zawartość selenu w glebach waha się od ilości deficytowych do silnie toksycznych. Występowanie tego pierwiastka na kilku stopniach utlenienia powoduje jego odmienne zachowanie się w środowisku glebowym i powstawanie różnych form mobilnych. Przyпуска się, że selen ma znaczenie w metabolizmie roślin, zwłaszcza akumulujących go w dużych ilościach. Celem pracy było określenie wpływu sposobu przechowywania obornika, nawożenia azotem oraz głębokości pobierania próbek glebowych na zawartość selenu ogółem oraz jego frakcji fitoprzyswajalnych w glebie pod uprawą jęczmienia jarego. Próbkę gleby płowej pobrano z doświadczenia założonego przez IUNG w Puławach na terenie RZD Grabów n/Wisłą. Zawartość selenu ogółem w glebie oznaczono metodą Watkinsona, natomiast ekstrakcję selenianów(IV) i (VI) metodą Chao i Sanzolone w modyfikacji Wang i Chen. Zawartość selenu ogółem w glebie mieściła się w zakresie $0,056-0,464 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ i była determinowana jedynie nawożeniem azotowym. Zawartość selenianów(IV) istotnie zależała od nawożenia obornikiem i była najwyższa na obiektach, na których stosowano obornik przechowywany w warunkach tlenowych. W przypadku selenianów(VI) wszystkie czynniki doświadczenia istotnie wpływały na ich zawartość w glebie. Udział frakcji fitoprzyswajalnych w całkowitej zawartości selenu w warunkach doświadczenia kształtował się na poziomie od 4,8% w glebie kontrolnej do prawie 10% w glebie z obiektów, na których stosowano obornik przechowywany w warunkach tlenowych.

Wpływ wartości nawozowej obornika na zawartość selenu i jego frakcji fitoprzyswajalnych w glebie pod uprawą pszenicy ozimej

MARLENA GRABOWSKA, KATARZYNA BOROWSKA

Katedra Biochemii

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP

ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Selen jest ważnym biopierwiastkiem dla organizmów żywych, gdyż zarówno jego niedobór jak i nadmiar może przyczyniać się do powstawania wielu chorób, zwłaszcza u ludzi i zwierząt. Celem pracy było określenie wpływu sposobu przechowywania obornika, nawożenia azotem oraz głębokości pobierania próbek glebowych na zawartość selenu ogółem oraz jego frakcji fitoprzyswajalnych w glebie pod uprawą pszenicy ozimej. Próbki glebowe pobrano z doświadczenia prowadzonego przez IUNG w Puławach na terenie RZD Grabów nad Wisłą. Zawartość selenu ogółem w glebie oznaczono metodą Watkinsona, natomiast seleniany(IV) oraz (VI) wyekstrahowano zgodnie z procedurą Chao i Sanzolone w modyfikacji Wang i Chen. Zawartość selenu ogółem w glebie z obiektów, na których obornika nie stosowano, mieściła się w zakresie 0,164-0,337 mg·kg⁻¹. Nawożenie obornikiem, zwłaszcza przechowywanym w warunkach beztlenowych, spowodowało wzrost zawartości Se ogółem w glebie o ponad 70%. Zawartość Se ogółem w badanej glebie była także determinowana głębokością pobierania próbek. Nie stwierdzono natomiast istotnego wpływu nawożenia azotem na zawartość tego mikroelementu w glebie. Zawartość selenianów(IV) istotnie zależała od sposobu przechowywania obornika oraz nawożenia azotem. W przypadku selenianów(VI) wszystkie trzy czynniki były istotne statystycznie. Udział frakcji fitodostępnych wynosił od 5,6% do 10% całkowitej zawartości tego pierwiastka w badanej glebie i był najwyższy na obiektach, na których stosowano obornik przechowywany w warunkach tlenowych.

Wykorzystanie techniki PCR do określania przynależności gatunkowej i potencjalnej zdolności mikotoksynotwórczej izolatów *Fusarium sambucinum* (Fuckel) pochodzących z sucho gnijących bulw *Solanum tuberosum*

EWA BŁAŻEJCZAK, CZESŁAW SADOWSKI

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Fusarium sambucinum jest jednym z głównych patogenów atakujących bulwy ziemniaka, wywołując suchą zgniliznę. Choroba ta powoduje duże straty w plonach tych ważnych gospodarczo roślin. Szczególnie groźną właściwością *Fusarium sambucinum* jest produkcja mikotoksyn, takich jak trichoteceny i enniatyny, które negatywnie wpływają na zdrowie zwierząt i ludzi, wywołując mikotoksykozy. Celem prowadzonych badań było wykazanie obecności grzybów w sucho gnijących bulwach ziemniaka oraz sprawdzenie potencjalnej zdolności wyizolowanych szczepów do tworzenia trichotecenów z grupy A oraz enniatyn. W tym celu sporządzono kultury jednozarodnikowe z chorej tkanki bulw ziemniaka, oznaczonych wcześniej przy użyciu mikroskopu jako gatunek *F. sambucinum*. Następnie, z otrzymanych kultur wyizolowano DNA i przeprowadzono testy przy użyciu techniki PCR. Uzyskane w reakcji PCR produkty poddano rozdziałowi elektroforetycznemu w żelu agarozowym. Wykazano, że nie wszystkie izolaty zidentyfikowane wcześniej przy pomocy klucza mikologicznego jako *F. sambucinum* należały do tego gatunku. Brak produktu PCR wykryto w dwóch z 44 izolatów, które odrzucono w dalszych badaniach. W testach prowadzonych na określenie potencjalnej zdolności do tworzenia mikotoksyn wykazano, że wszystkie izolaty posiadały geny warunkujące syntezę enniatyn, natomiast nie wszystkie wykazały zdolność do tworzenia trichotecenów z grupy A. Prowadzone są dalsze badania mające potwierdzić brak zdolności tych izolatów do wytwarzania trichotecenów z grupy A.

Wykorzystanie metody PCR do identyfikacji endofita *Neotyphodium lolii* oraz jego wpływ na indukcję specyficznych mechanizmów obronnych w roślinie

KATARZYNA KOCZWARA, DARIUSZ PAŃKA

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Życica trwała (*Lolium perenne*) jest trawą o dużym znaczeniu gospodarczym w Polsce. Jednakże istotnym problemem podczas jej uprawy są choroby grzybowe, wywoływane m.in. przez *Fusarium* spp. Ich szkodliwość może być ograniczana dzięki wykorzystaniu naturalnych układów symbiotycznych, jakie zawiązuje życica trwała z endofitem *Neotyphodium lolii*. Symbiont może stymulować wzrost i rozwój trawy, a także zwiększać odporność na biotyczne i abiotyczne czynniki stresowe. Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja *N. lolii* w kolekcji ekotypów życicy trwałej, za pomocą metody molekularnej oraz określenie wpływu symbionta na indukowanie w roślinie specyficznych mechanizmów obronnych, do których zalicza się produkcję litycznych enzymów białkowych z grupy 1,3- β -glukanaz oraz chitynaz. Detekcję grzybni endofita przeprowadzono w oparciu o metodę PCR. Do izolacji DNA wykorzystano DNEasy Plant Mini Kit firmy QIAGEN. W warunkach wazonowych oznaczano zawartość chitynaz i glukanaz w roślinach zasiedlonych (E+) i niezasiedlonych (E-) przez endofita, w odstępach 0, 1, 2, 3, 4 i 5 dni od zainfekowania przez *Fusarium poae*. Enzymy ekstrahowano buforem octanowym. Aktywność enzymatyczną oznaczono metodą reakcji z kwasem DNS, po uprzedniej inkubacji uzyskanych ekstraktów z zawiesiną koloidalnej chityny i roztworem laminaryny. Zasiedlenie badanej kolekcji ekotypów kształtowało się na średnim poziomie. Obecność endofita miała wpływ na podwyższoną zawartość zarówno chitynaz, jak i glukanaz w życicy trwałej. Ich zawartość była wyższa w kombinacjach E+ także po infekcji przez *F. poae*. Zawartość enzymów wzrastała w początkowym okresie, a następnie nieznacznie malała. Uzyskane wyniki wskazują na istotną rolę enzymów litycznych w mechanizmie wyższej odporności roślin z endofitem *N. lolii* na porażenie przez patogenny (*F. poae*).

**Analiza molekularna ziarna pszenicy jarej
(*Triticum aestivum* L.) inokulowanej *Fusarium graminearum*
Schwabe, chronionej zróżnicowanymi dawkami fungicydów,
pod kątem obecności genów warunkujących
tworzenie mikotoksyn**

ANNA LESZCZYŃSKA, ALEKSANDER ŁUKANOWSKI

Katedra Fitopatologii i Mikologii Molekularnej
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Fusarium graminearum jest częścią kompleksu patogenicznego, wywołującego jedną z najgroźniejszych chorób pszenicy – fuzariozę kłosów. Porażenie przez patogen, oprócz obniżenia masy ziarniaków, powoduje skażenie ziarna metabolitami wtórnymi, ujemnie wpływającymi na zdrowie ludzi i zwierząt. Mikotoksynami najczęściej wytwarzanymi przez *F. graminearum* są zearalenon (ZEA) oraz trichoteceny grupy B, deoksyniwalenol (DON) i niwalenol (NIV). Celem pracy była identyfikacja genów warunkujących tworzenie mikotoksyn w ziarnie pszenicy jarej chronionej różnymi fungicydami, stosowanymi w trzech dawkach: zalecanej, zmniejszonej i zwiększonej w stosunku do ilości optymalnej. Diagnostykę molekularną oparto na łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR), wykorzystując specyficzne startery typu SCAR. Analiza ziarna potwierdziła obecność grzybów rodzaju *Fusarium*, zidentyfikowany został również gatunek *F. graminearum*. Potwierdzono zdolność izolatów *F. graminearum* do tworzenia trichotecenów (*Tri4* i *Tri5*), w tym chemotypów DON, NIV (Minus*Tri7* i *Tri7*NIV) i zearalenonu (PKS4). Badania uzupełniono o analizę chromatograficzną HPLC w celu określenia ilości trichotecenów grupy B oraz test immunoenzymatyczny ELISA pod kątem zawartości ZEA w ziarnie. Zaobserwowano zależność pomiędzy poziomem mikotoksyn a zastosowanymi dawkami fungicydów. W porównaniu z próbą kontrolną, pozbawioną ochrony fungicydowej, obniżona dawka substancji aktywnej wywołała zwiększoną syntezę toksyn fuzaryjnych.

Analiza molekularna ziarna pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.), inokulowanej izolatami *Fusarium culmorum*, chronionej zróżnicowanymi dawkami fungicydów, pod kątem obecności genów warunkujących tworzenie mikotoksyn

KATARZYNA ZAWADZKA, ANNA BATURO-CIEŚNIEWSKA

Katedra Fitopatologii i Mikrobiologii Molekularnej
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz

Grzyby rodzaju *Fusarium* są sprawcami fuzariozy kłosów wielu zbóż, powodującej obniżenie plonu i pogorszenie jego jakości, m.in. na skutek skażenia mikotoksynami. Do groźnych toksyn fuzaryjnych należą trichoteceny grupy B: deoksynivalenol (DON) i niwalenol (NIV) oraz zearalenon (ZEA), produkowane m.in. przez *F. culmorum*. Izolaty tego grzyba posłużyły do sztucznej inokulacji pszenicy ozimej, chronionej zróżnicowanymi dawkami fungicydów zawierających azoksy-strobinę, metkonazol oraz protiokonazol z tebukonazolem. Celem badań było określenie czy fungicydy, stosowane w dawkach zmniejszonych lub zwiększonych w stosunku do zalecanych, wpływają na produkcję mikotoksyn. Wykorzystując specyficzne startery typu SCAR w reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR) stwierdzono występowanie grzybów *Fusarium* spp. oraz *F. culmorum* we wszystkich próbach ziarna. Dokonano też identyfikacji genu PKS4, warunkującego zdolność do produkcji ZEA i genów odpowiedzialnych za tworzenie trichotecenów (analiza *Tri5*), w tym z grupy B (*Tri4*) oraz DON (Minus*Tri7*). Ilościowe oznaczenie mikotoksyn w ziarnie przeprowadzono na zlecanie KFiMM w IHAR PiB w Radzikowie, w oparciu o analizę chromatograficzną i immunoenzymatyczną. Na podstawie otrzymanych wyników stwierdzono ekspresję zidentyfikowanych genów i wykazano, że nieodpowiedni dobór preparatu lub jego dawki, szczególnie zbyt niskiej, może wywołać efekt niepożądany, stymulując grzyba do zwiększonej produkcji szkodliwych metabolitów.

Stymulacja eksplantatów merystematycznych i niemerysystematycznych siewek papryki odmiany Bryza w kierunku somatycznej embriogenezy *in vitro*

MARTA AUGUSTYNIAK, ANDRZEJ GATZ

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Somatyczna embriogeneza jest wykorzystywana do mikrorozmnażania roślin o cennych cechach użytkowych bądź takich, u których proces produkcji nasion jest utrudniony lub zbyt długotrwały. Pomimo, iż warunki do indukcji zarodków somatycznych zostały opracowane dla różnych gatunków roślin, nadal istnieją gatunki oporne pod tym względem; należy do nich papryka. Niniejsze badania miały na celu stymulację eksplantatów 14-dniowych siewek (wierzchołka wzrostu, hipokotylu, dystalnej i proksymalnej części liścienia) papryki rocznej (*Capsicum annuum* L.) odmiany Bryza do formowania zarodków somatycznych. W pracy zastosowano pożywkę MS stałą i płynną, zawierającą w jednym wariantcie TDZ ($0,1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$), w drugim BAP ($3 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$) z 2,4-D ($2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$). Ponadto, eksplantaty poddano również jednodniowej prekultury z wysokim poziomem BAP ($30 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$) i zróżnicowanym stężeniem sacharozy (3 i 8%). Po 8 tygodniach kultury z eksplantatów uzyskano kalus embriogeny i inne jego rodzaje oraz obserwowano organogenezę. Najefektywniej kalus embriogeny był formowany na dystalnej i proksymalnej części liścienia (100% eksplantatów), inkubowanych na pożywce stałej, w przeciwieństwie do pożywki płynnej, w przypadku której taki typ kalusa nie tworzył się. TDZ w przeciwieństwie do BAP z 2,4-D nie stymulował kalusa embriogenego tylko organogenezę, głównie w eksplantatach merystematycznych – wierzchołkach pędu – i niemerysystematycznych: hipokotyloch, lecz tylko na pożywce zestalonej agarom; na pożywce płynnej nie odnotowano ani pędo-, ani ryzogenezy.

Stymulacja eksplantatów z dojrzałych zarodków papryki (*Capsicum annuum* L.) odmiany Bryza w kierunku somatycznej embriogenezy w warunkach *in vitro*

ALDONA LEWICKA, ANDRZEJ GATZ

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Embriogeneza somatyczna jest procesem, w którym z komórek somatycznych tworzą się zarodki przybyszowe, przechodzące stadia rozwojowe podobnie jak zarodki zygotyczne. Proces ten wykorzystuje się do masowego, wegetatywnego rozmnażania roślin w warunkach *in vitro*. Celem badań było zaindukowanie somatycznej embriogenezy w eksplantatach z dojrzałych zarodków zygotycznych papryki (*Capsicum annuum* L.) odmiany Bryza. Do stymulacji tego procesu zastosowano BAP ($3; 30 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$), 2,4-D ($2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$), standardowe i podwyższone stężenie sacharozy ($3; 8\% \text{ w/o}$), dwie formy pożywki MS – stałą i płynną oraz jednodniową prekulturę z wysokim poziomem BAP ($30 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$). Eksplantaty z zarodków zygotycznych inkubowane były w warunkach 16-godzinnego fotoperiodu, przy natężeniu światła $60 \mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ i temperaturze 25°C . Po przedłużonej do 8 tygodni kulturze analizowano eksplantaty na obecność zarodków somatycznych, jak również określano ich cechy morfologiczne. Najefektywniejsze formowanie zarodków somatycznych miało miejsce na eksplantatach z płynnej pożywki MS zawierającej $3 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ i $2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ 2,4-D, a także sacharozę w stężeniu $8\% \text{ w/o}$. W tym przypadku otrzymano zarówno największą częstotliwość embriogenezy ($42,5\%$ eksplantatów), jak również największą wydajność (20 zarodków/eksplantat). Pożywka o tym samym składzie jak opisana powyżej, lecz zestalona agarem, była 3-krotnie mniej efektywna. Pozytywny efekt w stymulacji somatycznej embriogenezy otrzymano również na płynnej pożywce MS z wysokim stężeniem BAP ($30 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$), przy stężeniach sacharozy zarówno 3 , jak i 8% . Formowaniu zarodków somatycznych towarzyszył głównie kalus o dużej spójności komórek, guzłkowatej powierzchni i brązowej barwie.

Wpływ AgNO_3 na transformację genetyczną gorczycy białej (*Sinapis alba* L.) odmiany Nakielska za pomocą *Agrobacterium tumefaciens*

RADOSŁAW SZARPATOWSKI, JOANNA TROCZYŃSKA

Katedra Fizjologii Roślin i Podstaw Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Gorczyca biała jest jednoroczną, jarą rośliną oleistą należącą do rodziny *Brassicaceae*. Główną częścią użytkową *Sinapis alba* są bogate w tłuszcz i białko nasiona o bardzo korzystnym składzie aminokwasowym. Do podstawowych związków, limitujących ich wykorzystanie w przemyśle spożywczym i paszowym, należą glukozynolany i kwas erukowy. Ze względu na wysoką samoniezdgodność gorczycy białej uzyskanie nowych odmian tradycyjnymi metodami hodowli jest czasochłonne. Wykorzystanie nowoczesnych technik biotechnologii, takich jak transformacja genetyczna, może znacząco przyspieszyć postęp hodowlany *S. alba*. Tymczasem, gorczyca biała należy do gatunków trudno regenerujących w kulturach *in vitro*. Celem doświadczenia było określenie optymalnej dawki azotanu srebra, inhibitora percepcji etylenu, do udoskonalenia potencjału regeneracyjnego transformowanych eksplantatów. Nasiona gorczycy białej odmiany Nakielska poddano dwustopniowej sterylizacji i inokulowano na agarową pożywkę MS. Z 7-9-dniowych siewek izolowano 0,5-1 cm segmenty hipokotylowe, które inkubowano przez 30 minut w zawiesinie *Agrobacterium tumefaciens* o wartości $\text{OD}_{600} = 0,3$. 24-godzinną kokulturę prowadzono na pożywce regeneracyjnej, zawierającej $0,1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA i $1,0 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP. Następnie eksplantaty przenoszono na świeżą pożywkę, uzupełnioną o antybiotyki i azotan srebra o jednym z pięciu stężeń: 0, 30, 60, 90 lub $120 \mu\text{M}$. Najniższą liczbę hipokotyli regenerujących pędy uzyskano na pożywce z 0 i $60 \mu\text{M}$ AgNO_3 (po 5%). Przy użyciu azotanu srebra o stężeniu 30, 90 i $120 \mu\text{M}$ procent eksplantatów tworzących pędy był najwyższy i wyniósł odpowiednio 15, 15 i 25%. Na podstawie obserwacji z wykorzystaniem mikroskopu fluorescencyjnego stwierdzono ekspresję GFP u 12% pędów.

Cytometryczne badanie endoreduplikacji w siewkach jednorocznych gatunków z rodziny *Fabaceae*

AGATA BATOR, ELWIRA ŚLIWIŃSKA

Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii
Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

Endoreduplikacja jest to zjawisko polegające na zwielokrotnieniu zawartości DNA z pominięciem mitozy. W wyniku tego procesu powstają endopoliploidalne komórki, które tworzą polisomatyczne organy. Proces ten jest powszechny u roślin okrytozalążkowych, jednakże intensywność samej endoreduplikacji jest zależna od rodziny, gatunku, cyklu życiowego i organu rośliny. Specyficzny wzór endopoliploidyzacji w określonych organach sugeruje, że proces ten jest częścią rozwoju roślin i jest niezbędny do różnicowania oraz specjalizacji poszczególnych komórek. Za pomocą cytometrii przepływowej określono udział komórek o różnej zawartości DNA u 12 gatunków z rodziny *Fabaceae*. Analizie poddano korzeń, hipokotyl i liścień w dwóch fazach rozwojowych: (I) rozłożonych liścieni (gatunki kiełkujące epigeicznie), bądź po ukazaniu się epikotyłu nad powierzchnią gleby (gatunki kiełkujące hipogeicznie), (II) pojawienia się pierwszej pary liści. Określono procentowy udział jąder z różną zawartością DNA oraz obliczono średnią ploidalność. Wszystkie badane gatunki okazały się polisomatyczne, jednakże liczba endocykli była organospecyficzna. Najwyższą zawartość DNA zaobserwowano w liścieniu (4 endocykle – 64C); w organie tym odnotowano również u większości gatunków wzrost średniej ploidalności wraz z przejściem do drugiego stadium rozwojowego. W hipokotyłu średnia ploidalność u 7 gatunków pozostała bez zmian, w korzeniu zaś nie zaobserwowano wyraźnego kierunku tej zależności. Wyniki badań pozwoliły także potwierdzić hipotezę, że liczba endocykli jest negatywnie skorelowana z wielkością genomu.

Polisomatyczność w organach siewek roślin wieloletnich z rodziny *Fabaceae*

MAŁGORZATA IWAŃSKA, ELWIRA ŚLIWIŃSKA

Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii
Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

Polisomatyczność to obecność komórek o różnej zawartości DNA w danym organie lub tkance. Przyczyną tego zjawiska jest endoreduplikacja, czyli proces zwielokrotnienia zawartości DNA w jądrze, po którym nie następuje mitoz. Endoreduplikacja prowadzi do powstania endopoliploidalnych jąder, czyli takich, które zawierają więcej niż 4C DNA. Intensywność endoreduplikacji jest różna w zależności od organu. Przy użyciu cytometru przepływowego zbadano intensywność endoreduplikacji u 12 gatunków roślin wieloletnich z rodziny *Fabaceae*, należących do 3 podrodzin: *Caesalpinioideae*, *Faboideae*, *Mimosoideae*. Każdy z gatunków był badany w dwóch fazach: (I) rozłożonych liścieni dla gatunków kiełkujących epigeicznie lub epikotyłu wzniesionego nad powierzchnię gleby dla gatunków kiełkujących hipogeicznie oraz (II) – pierwszego liścia. W każdej fazie analizie cytometrycznej poddano korzeń, łodygę i liście lub pierwszy liść. We wszystkich próbach stwierdzono obecność jąder 2C i 4C. Najwyższy poziom endopoloidalności zaobserwowano w liścieniach *Lupinus polyphyllus* w obu fazach rozwojowych oraz w II fazie u *Acacia smallii* (32C). Natomiast najniższa średnia endopoloidalność wystąpiła u *Cassia artemisioides*. Istotny spadek ploidalności w czasie rozwoju zaobserwowano w hipokotyłu u prawie wszystkich badanych gatunków w II fazie (wyjątek stanowił *Lupinus polyphyllus*). W przypadku korzenia tylko u 4 gatunków zaobserwowano spadek ploidalności w II fazie. W liścieniu u 4 gatunków w II fazie nastąpił wzrost ploidalności.

Zmiany efektywności androgenozy u *Capsicum* spp. pod wpływem 2,4-D

ANDRZEJ KRAJEWSKI, DOROTA OLSZEWSKA, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Androgeneza jest procesem, w wyniku którego uzyskuje się rośliny z gametofitu męskiego. U roślin wyższych proces taki może być indukowany poprzez poddanie pylników lub mikrospor kulturze w warunkach *in vitro*. W efekcie androgenozy uzyskuje się haploidy lub podwojone haploidy. Otrzymane regeneranty są idealnym materiałem do badań genetycznych i hodowlanych. Wykorzystuje się je między innymi w selekcji mutantów, tworzeniu roślin transgenicznych, mapowaniu genomów, poszukiwaniu markerów, itd. Przez poliploidyzację haploidów w krótkim czasie otrzymuje się wysoce homozygotyczne linie. Papryka ma duże znaczenie ekonomiczne i gospodarcze oraz jest wdzięcznym obiektem badań w biotechnologii. Zbadano wpływ egzogenego traktowania roślin 2,4-D na efektywność androgenozy. W badaniach wykorzystano trzy mieszańce F_1 *Capsicum* spp. Dwa z nich silnie zareagowały na traktowanie. W przypadku odmiany King Arthur F_1 , w wyniku stymulacji 2,4-D odpowiedź androgeniczna wzrosła z 1,36 do 3,86%. U formy 405×'Luba' efektywność wzrosła z 21,64 do 42,08%. Mieszaniec 405×'Sono' zareagował inaczej. Materiał nietraktowany dał odpowiedź na poziomie 33,61%, a traktowany – 27,66%. W sumie, z całego doświadczenia, uzyskano 106 haploidów (4,81%), 32 diploidy (1,45%) i 18 miksploidów (0,82%). Uzyskano także 195 korzeni (8,85%) i 81 zarodków (3,68%), które nie podjęły dalszego rozwoju. Części roślin nie udało się zaanalizować ze względu na wystąpienie zakażeń (0,36%) lub wysokie deformacje, uniemożliwiające przygotowanie prób do analizy (1,77%).

Wykorzystanie metody RAPD w analizie form mieszańcowych *Capsicum* spp.

PAWEŁ LEWIŃSKI, DOROTA OLSZEWSKA

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

Znaczenie gospodarcze roślin z rodzaju *Capsicum* nieustannie się zwiększa. Są one cenionym surowcem nie tylko w przemyśle spożywczym, ale także farmaceutycznym i kosmetycznym. Mimo dużej różnorodności fenotypowej uprawiane obecnie komercyjnie odmiany papryki są tylko w niewielkim stopniu zróżnicowane pod względem genetycznym. Można je identyfikować i oceniać stosując izoenzymy, opisy morfologiczne lub techniki biologii molekularnej. Jedną z takich metod jest RAPD – losowa amplifikacja polimorficznego DNA (ang. *Random Amplified Polymorphic DNA*). Znalazła ona szerokie zastosowanie w pracach hodowlanych: stosuje się ją do identyfikacji odmian, technika RAPD pozwala określić czystość i zmienność genetyczną oraz tworzyć mapy genetyczne. Celem niniejszej pracy było opracowanie markerów RAPD różnicujących linie uprawne z rodzaju *Capsicum*, użyte w doświadczeniu jako formy rodzicielskie krzyżowań, oraz dalsze ich wykorzystanie do identyfikacji mieszańców wewnątrz- i międzygatunkowych. Dla ocenianych genotypów przetestowano 18 arbitralnych oligonukleotydowych starterów, stosując parametry reakcji RAPD-PCR według Ilbi (2003). Połowa użytych starterów wykazała obecność polimorficznych prążków różnicujących badane genotypy. Pozwoliło to na wyodrębnienie form rodzicielskich oraz określenie pochodzenia otrzymanych mieszańców. Stwierdzono, iż użyta metoda stanowi cenne narzędzie w pracach hodowlanych nad doskonaleniem papryki rocznej.

Diploidyzacja androgenicznych roślin *in vitro*

SEBASTIAN SENDEL, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-789 Bydgoszcz

Rośliny z gatunku *Capsicum annuum* L. nabierają coraz większego znaczenia gospodarczego. Ze względu na rosnące zainteresowanie papryką w różnorodnych gałęziach przemysłu wzrasta również zapotrzebowanie na nowe odmiany, dostosowane do lokalnych warunków uprawy. Z tego powodu polscy hodowcy od dłuższego czasu pracują nad uzyskaniem coraz to nowszych i bardziej wszechstronnych odmian, dających w polskich warunkach klimatycznych zadowalające efekty ekonomiczne. Najczęściej stosowaną metodą tworzenia nowych odmian jest diploidyzacja haploidalnych roślin, które po podwojeniu materiału genetycznego mogą dać początek w pełni homozygotycznym liniom DH. Takiego stopnia homozygotyczności nie da się uzyskać żadną inną, dotychczas znaną metodą. W Katedrze Genetyki i Biotechnologii Roślin do diploidyzacji materiału roślinnego stosuje się kolchicynę w stężeniu $400 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$, która zaburza działanie wrzeciona kariokinetycznego podczas podziałów mitotycznych. Celem niniejszego badania było określenie stopnia przeżywalności roślin poddanych kolchicynowaniu oraz określenie efektywności procesu diploidyzacji w poszczególnych genotypach wykorzystanych do badania. Całkowita średnia przeżywalność roślin wyniosła 69,3%. Udowodniono, że wśród roślin traktowanych kolchicyną wystąpiło średnio 30,1% roślin diploidalnych. Stwierdzono również, że stopień ploidalności roślin kolchicynowanych zależy w dużym stopniu od genotypu rośliny matecznej. Uzyskane diploidy stanowią doskonały materiał wyjściowy do dalszych prac hodowlanych mających na celu tworzenie nowych odmian komercyjnych.

Zastosowanie techniki RAPD w identyfikacji form bliźniaczych *Capsicum annuum* L.

SYLWIA STOJAK, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Powstawanie form bliźniaczych u roślin może być skutkiem wytworzenia w załążku więcej niż jednego zarodka. Zjawisko to zostało opisane jako poliembrionia, czyli wielozarodkowość. Dodatkowe zarodki mogą powstać zarówno z pojedynczej komórki jajowej, jak i innych komórek gametofitu lub sporofitu. Rośliny bliźniacze, w zależności od pochodzenia, mogą różnić się między sobą. Wielozarodkowość ma niewątpliwie duże znaczenie w hodowli roślin jako źródło osobników haploidalnych lub w przypadku dalszego doskonalenia znanych już odmian. Głównym celem niniejszej pracy było wykazanie zróżnicowania między formami bliźniaczymi papryki oraz ich formami rodzicielskimi. Jako materiał badawczy wykorzystano rośliny bliźniacze, stanowiące pokolenie F₂ linii 'ATZ' oraz odmiany uprawnej Sono, należących do gatunku *Capsicum annuum*. Analizowane genotypy różniły się fenotypowo: w grupie badanych roślin pojawiły się różnice w barwie owoców, zarówno w parach, jak i pomiędzy nimi. W badaniach wykorzystano technikę RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Spośród 27 oligonukleotydowych starterów 9 wykazało zróżnicowanie w obrębie par roślin bliźniaczych. Największą liczbę polimorficznych markerów uzyskano dla roślin, między którymi występowała różnica w kolorze owocu. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują, iż technika RAPD stanowi przydatne narzędzie do analizy blisko spokrewnionych form.

Wartość technologiczna form soft-flesh *Capsicum* spp.

ANNA WALC, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Owoce typu soft-flesh charakteryzują się występowaniem miękkiego miąższu. Cecha ta jest pożądana przez przemysł przetwórczy, gdyż umożliwia oddzielenie części jadalnych od niejadalnych bez konieczności stosowania wysokich temperatur. Pozwala to na zachowanie w produktach substancji biologicznie czynnych. Celem pracy była ocena przydatności technologicznej badanych genotypów dla przemysłu przetwórczego: do produkcji past, przecierów i koncentratów paprykowych. Materiał badawczy stanowiły owoce uzyskane z czterech form mieszańcowych, otrzymanych w wyniku krzyżowania komercyjnych odmian papryki słodkiej z ostrymi, miękko-miękiszowymi i drobnoowocowymi liniami hodowlanymi, wyprowadzonymi z mieszańców międzygatunkowych *Capsicum annuum* L. × *Capsicum frutescens* L. W celu oceny wartości technologicznej owoców papryki dokonano ich analizy jakościowej i ilościowej, z uwzględnieniem wielkości otrzymanego plonu, wymiarów owoców oraz wydajności technologicznej. Porównanie z formami rodzicielskimi – 405 i 905, wykazało znaczące różnice w wielkości plonów. Masa owoców uzyskanych z linii 405 i 905 wynosiła odpowiednio 602,8 oraz 460,8 g, natomiast w przypadku badanych form mieszańcowych masa plonu zawierała się w granicach od 782,6 do 1181,4 g. W celu pełnej oceny wartości technologicznej próby zostaną poddane analizie zawartości kapsaicynoidów za pomocą metody HPLC – wysokociśnieniowej chromatografii ciekłej.

2,4-D jako czynnik stymulujący androgenezę u *Capsicum* spp.

LUKASZ WOLFF, DOROTA OLSZEWSKA, PAWEŁ NOWACZYK

Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Papryka jest rośliną o dużym znaczeniu gospodarczym. Odmiany słodkie spożywa się na surowo, a ostre wykorzystuje jako przyprawę. Rośliny z rodzaju *Capsicum* posiadają wiele właściwości leczniczych, głównie dzięki zawartości kapsaicyny i przeciwutleniaczy. Androgeneza jest jedną z najbardziej wydajnych metod pozyskiwania roślin haploidalnych. W trakcie kultury pylników *in vitro*, w odpowiednich warunkach otrzymuje się zarodki, a następnie zregenerowane rośliny. Uzyskane diploidalne, całkowicie homozygotyczne linie mogą zostać wykorzystane w hodowli i doświadczeniach genetycznych. Badano wpływ egzogenego traktowania roślin 2,4-D na efektywność późniejszej kultury pylników. Oprysk (roztwór o stężeniu $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$) przeprowadzono w godzinach wieczornych dnia poprzedzającego założenie kultury. Materiał badawczy stanowiły dwa genotypy mieszańcowe *Capsicum* spp.: $(905 \times \text{'Mino'})F_1$, $(905 \times \text{'Sono'})F_1$ oraz genotyp mieszańcowy *Capsicum annuum* L. $(\text{ATZ} \times \text{'Sono'})F_1$. Spośród 2291 wyłożonych pylników uzyskano 337 zarodków (14,71%). W rezultacie badań otrzymano 101 roślin, z czego 71 stanowiły haploidy. Do badania ploidalności wykorzystano cytometrię przepływową. Egzogenne traktowanie auksyną wpłynęło pozytywnie na wydajność androgenozy u dwóch mieszańców: $(\text{ATZ} \times \text{'Sono'})F_1$ i $(905 \times \text{'Mino'})F_1$. W przypadku $(\text{ATZ} \times \text{'Sono'})F_1$ liczba regenerantów wzrosła z 6 do 22 (ponad trzykrotnie), a w przypadku $(905 \times \text{'Mino'})F_1$ z 8 do 16, czyli dwukrotnie. U formy mieszańcowej $(905 \times \text{'Sono'})F_1$ traktowanie pozwoliło uzyskać 21 regenerantów, jednakże zabieg nie wpłynął na wzrost efektywności androgenozy w porównaniu z kontrolą (28 roślin).

Inaktywacja drobnoustrojów w procesie fermentacji beztlenowej

PAWEŁ DĘBSKI, ZBIGNIEW PALUSZAK

Katedra Mikrobiologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Fermentacja beztlenowa jest procesem biodegradacji materii organicznej, w wyniku której powstaje biogaz oraz materiał pofermentacyjny. Głównym substratem procesu jest gnojowica. Często dodaje się do niej jako kosubstrat odpady mięsne. Zarówno gnojowica, jak i odpady poubojowe mogą stwarzać zagrożenie dla ludzi i zwierząt na skutek obecności w nich patogennych drobnoustrojów. Dlatego ważne jest określenie czynników inaktywujących oraz czasu ich działania potrzebnego do pełnej eliminacji chorobotwórczych mikroorganizmów znajdujących się w biomasie. Celem badań było określenie tempa inaktywacji pałeczek *Salmonella dublin* oraz jaj *Ascaris suum* w czterech cyklach badawczych, z których trzy pierwsze realizowane były w warunkach mezofilnych, a ostatni – termofilnych. Badania prowadzono w dwukomorowym bioreaktorze. Wsad stanowiła gnojowica oraz gnojowica z dodatkiem odpadów mięsnych. W każdym okresie badawczym do zbiorników dodawano 8 nośników zawierających zawiesinę *S. dublin* o koncentracji 10^6 – 10^8 /ml oraz worki perlonowe, w których znajdowały się jaja *A. suum*. Badania laboratoryjne *S. dublin* prowadzono w oparciu o metodę NPL. Jaja pasożyta po pobraniu umieszczano na 28 dni w cieplarni, a następnie zliczano procent żywych jaj. Z przeprowadzonych badań wynika, że czas potrzebny do pełnej eliminacji drobnoustrojów wahał się od 1,5 godziny w warunkach termofilnych do 15 dni w temperaturze 37°C. Natomiast teoretyczny czas przeżycia dla *A. suum* zamykał się w przedziale od 1,5 godziny w temperaturze 55°C do 130 dni w warunkach mezofilnych. Na podstawie badań można wnioskować, że im wyższa temperatura prowadzenia procesu, tym szybsza eliminacja patogennych drobnoustrojów.

Wpływ wybranych środków dezynfekcyjnych na ograniczenie chorób grzybowych w uprawie pieczarki

MICHAŁ SKRZYPEK, BARBARA BREZA-BORUTA

Katedra Mikrobiologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Grzyby patogeniczne wpływają ujemnie na wysokość plonu oraz jego jakość przez wydzielanie do podłoża toksycznych substancji i dodatkowe zajmowanie w nim miejsca. Mogą one porażać grzybnię oraz owocniki, co sprawia, że zaatakowane pieczarki ulegają różnego rodzaju zniekształceniom. Stosowanie środków dezynfekcyjnych jest istotnym elementem utrzymania higieny wewnątrz i wokół gospodarstwa. Celem badań było określenie wpływu wybranych środków na rozwój *Mycogone perniciosa*, *Verticillium fungicola* oraz *Dactylium dendroides* w warunkach *in vitro*, a także podczas hodowli wglębnej w podłożu kompostowym. W obydwu doświadczeniach zastosowano 4 preparaty: formalinę, Lerasept, Agrosteril i efektywne mikroorganizmy EM-BIO. Pierwsze doświadczenie *in vitro* polegało na inkubacji wyciętego krążka grzybni na płytce Petriego z podłożem celulozowo-ziemniaczanym PDA (Potato Dextrose Agar). Podłoża PDA zawierały w swoim składzie 0,2-2 ml każdego z badanych środków dezynfekcyjnych w stężeniach 2, 3 i 4%. Pomiarów wzrostu grzybni dokonywano kolejno po 3, 5, 7 i 14 dniach od momentu zainicjowania hodowli. Drugie doświadczenie przebiegało w podłożu kompostowym, które zostało zaszczerpięte badanymi grzybami. Do podłoża dodano po 4 ml każdego środka dezynfekcyjnego w stężeniach 1÷4%. Tak przygotowane próby rozcieńczono 6-krotnie i zestalono na płytkach z płynnym PDA. Wyniki zostały odczytane pod mikroskopem na podstawie zmian, jakie zaszły w strukturze rosnącej grzybni. Z przeprowadzonych doświadczeń wynika, że formalina hamuje wzrost badanych grzybów 60% bardziej intensywnie niż pozostałe środki dezynfekcyjne. Najwyższą odporność na testowane środki wykazał *Verticillium fungicola*, zaś najniższą – *Mycogone perniciosa*, którego wzrost hamowała już dawka 0,2 ml 2% formaliny.

Regeneracja pędów przybyszowych z eksplantatów pierwotnych i wtórnych u chryzantemy wielkokwiatowej (*Chrysanthemum* × *grandiflorum* Ramat. /Kitam/)

JOANNA CHLEBEK, MAŁGORZATA ZALEWSKA

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Możliwość rozmnażania roślin przez pędy przybyszowe ma ogromne znaczenie w hodowli mutacyjnej roślin ozdobnych. Polega ono na rozmnażaniu roślin z eksplantatów nie zawierających merystemów. Celem pracy było zbadanie wpływu dwóch czynników: pochodzenia eksplantatu (*ex vivo*, *ex vitro*) oraz jego rodzaju (międzywęźla, liście oraz korzenie) na regenerację pędów przybyszowych u chryzantemy wielkokwiatowej odmian Satinbleu oraz Alchimist w kulturach *in vitro*. Eksplantaty pierwotne oraz wtórne umieszczono na pożywce Murashige i Skooga (MS) z dodatkiem $0,2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ IAA (kwas indolilo-3-octowy) oraz $0,6 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP (benzyloaminopuryna). Na podstawie uzyskanych wyników badań stwierdzono, że u obu badanych odmian pędy przybyszowe nie regenerowały z eksplantatów pierwotnych i wtórnych pobranych z korzeni. U odmiany Alchimist w sposób podobny zachowały się liście. U odmiany Satinbleu najwięcej pędów przybyszowych regenerowało z międzywęźli. Ponadto stwierdzono, iż u żadnej z odmian pochodzenie międzywęźli jak i eksplantatów liściowych nie wpłynęło na liczbę pędów przybyszowych. U odmiany Satinbleu większy udział eksplantatów regenerujących obserwowano w przypadku eksplantatów *ex vivo*, natomiast u odmiany Alchimist – *ex vitro*. Niezależnie od eksplantatu regeneracja pędów przybyszowych charakteryzowała się bardzo dużym współczynnikiem zmienności.

Zdolność do tworzenia zarodków somatycznych u chryzantemy wielkokwiatowej odmian Lady Rosy i Lady Salmon

ALICJA FOLBORSKA, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Pracownia Biotechnologii
Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Celem badań było uzyskanie zarodków somatycznych z eksplantatów liściowych chryzantemy wielkokwiatowej (*Chrysanthemum* × *grandiflorum*/Ramat./Kitam.) odmian Lady Rosy oraz Lady Salmon. Prosto-kątne fragmenty blaszek liściowych otrzymane z mikrosadzonek pochodzących z warunków *in vitro* wykładano stroną abakksjalną na zmodyfikowaną pożywkę MS o pH równym 5,8. Pożywki wzbogacone zostały o regulatory wzrostu: auksynę 2,4-D (kwas 2,4-dichlorofenoksyoctowy) o stałym stężeniu $4 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ oraz cytokininę: kinetynę lub BAP (6-benzyloaminopuryna) w ilości 1, 2 lub $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$. Po dziesięciu tygodniach kultury u obu odmian najwięcej zarodków somatycznych zanotowano na pożywkach zawierających wyłącznie auksynę 2,4-D. Na pożywkach zawierających oprócz auksyny także cytokininę najkorzystniejszy okazał się dodatek $1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ kinetyny, zarówno dla odmiany Lady Rosy, jak i Lady Salmon. Na pożywce zawierającej $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP u odmiany Lady Salmon nie wyizolowano ani jednego zarodka. Z przeprowadzonych badań wynika, że auksyna 2,4-D jest czynnikiem wystarczającym do indukcji somatycznej embriogenezy u badanych odmian chryzantem. Uzyskane zarodki somatyczne znajdowały się w różnych stadiach rozwojowych, od globularnego po stadium liścieniowe. Badania wykazały specyfikę odmianową chryzantemy wielkokwiatowej w stosunku do somatycznej embriogenezy.

Zdolność do tworzenia zarodków somatycznych u chryzantemy wielkokwiatowej odmian Lady Apricot, Lady Bronze i Lady Orange

KATARZYNA KOZŁOWSKA, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Pracownia Biotechnologii
Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Celem badań było uzyskanie zarodków somatycznych u trzech odmian chryzantemy wielkokwiatowej (*Chrysanthemum* × *grandiflorum* Ramat./Kitam.): Lady Apricot, Lady Bronze i Lady Orange. Eksplantatami były prostokątne fragmenty blaszki liściowej wyłożone na 7 zmodyfikowanych pożywkach MS. Wszystkie pożywki zawierały taką samą ilość auksyny 2,4-D (kwas 2,4-dichlorofenoksyoctowy) – $4 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$. Zmienna natomiast była zawartość cytokinin: kinetyny (1, 2 lub $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$) lub 6-benzyloaminopuryny (BAP) (1, 2 lub $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$). Pożywka kontrolna MSK zawierała tylko auksynę bez dodatku cytokinin. Po 10 tygodniach obserwacji wyizolowano powstałe na eksplantatach zarodki somatyczne. Wszystkie zarodki u badanych odmian regenerowały na drodze pośredniej somatycznej embriogenezy przez stadium kalusa. U wszystkich badanych odmian najwięcej zarodków somatycznych regenerowało na pożywce MSK. Ponadto, zarodki uzyskane z eksplantatów wyłożonych na pożywkę MSK były w najbardziej dojrzałych, a więc najbardziej pożądanym, stadiach rozwojowych. Spośród pożywek zawierających obok auksyny także cytokininę, dla odmian Lady Apricot i Lady Bronze najkorzystniejsza była pożywka zawierająca 1 i $2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ kinetyny, natomiast u odmiany Lady Orange podobna ilość zarodków regenerowała na pożywce zawierającej 1 i $2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ kinetyny oraz 1 i $5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP. Oprócz zarodków somatycznych uzyskano także korzenie przybyszowe, których zdecydowanie najwięcej powstało na pożywce MSK. Mimo, że wszystkie odmiany wykazały zdolność do somatycznej embriogenezy, to zaobserwowano pomiędzy nimi specyfikę odmianową.

Embriogeneza somatyczna u kaktusa z rodzaju *Astrophytum*

DARIUSZ KULUS, JUSTYNA LEMA-RUMIŃSKA

Pracownia Biotechnologii
Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Astrophytum asterias (Zucc.) Lem. jest jednym z najbardziej pożądanych i jednocześnie zagrożonych kaktusów na świecie. W jego ochronę warto więc włączyć techniki mikrorozmnażania. Embriogeneza somatyczna jest najefektywniejszą spośród metod multiplikacji i polega na tworzeniu zarodków somatycznych z komórek wegetatywnych. Pożywka, warunki świetlne oraz rodzaj eksplantatu mają kluczowy wpływ na jej wydajność. Auksyna 2,4-D (kwas 2,4-dichlorofenoksyoctowy) jest najczęściej stosowaną w indukcji embriogenezy. Celem badań było określenie wpływu stężenia 2,4-D i warunków świetlnych na wydajność embriogenezy somatycznej u *Astrophytum asterias*. Eksplantaty wtórne stanowiły fragmenty siewek uzyskanych *in vitro*. Nasiona sterylizowano w 70% etanolu (1-2 s) i 1,58% podchlorynie sodu (15 minut) oraz płukano trzykrotnie w sterylnej wodzie destylowanej. Następnie inokulowano je na zmodyfikowaną pożywkę $\frac{1}{2}$ MS0 o zredukowanej (do $20 \text{ g} \cdot \text{dm}^{-3}$) zawartości sacharozy (pH 5,7 – przed autoklawowaniem). Wszystkie kultury *in vitro* inkubowano w pokoju wzrostowym ($24 \pm 2^\circ\text{C}$, 16-godzinny fotoperiod, natężenie światła: $24,3 \mu\text{M} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$). Po 14 dniach z 70% nasion uzyskano siewki. Aby określić rolę auksyny w regeneracji zarodków somatycznych połówki zielonych siewek wyłożono w pokoju wzrostowym na zmodyfikowaną pożywkę MS z dodatkiem 0 (kontrola), 5, 7 i $10 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ 2,4-D. W celu zweryfikowania wpływu warunków świetlnych połowa powtórzeń była inkubowana na świetle, a reszta w ciemności. Po 10 tygodniach trwania kultury wyizolowano, zliczono i zmierzono zregenerowane zarodki. Uzyskano je na wszystkich pożywkach, w obu warunkach świetlnych (głównie na drodze pośredniej). Optymalne stężenie 2,4-D wynosiło $7 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$. Badania własne potwierdziły pozytywny wpływ 2,4-D i światła na liczbę eksplantatów tworzących struktury embrioidalne oraz na ilość regenerujących zarodków.

Mikrorozmnażanie psianki ekwadorskiej (*Solanum quitoense* Lam.)

JAKUB TRYBOBA, BEATA DURAU

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

W kulturach *in vitro* komórki somatyczne, czasami już znacznie zróżnicowane, mogą dać początek nowemu organizmowi. Formowane w ten sposób organy nazywa się przybyszowymi, natomiast proces ich powstawania organogenezą przybyszową. Dzięki temu nowe organy takie jak pędy, korzenie i zarodki mogą być indukowane na tkankach nie mających charakteru merystematycznego. Ta metoda rozmnażania pozwala praktycznie i efektywnie wykorzystać w pracach hodowlanych zmienność somaklonalną i indukowaną mutagenezę, jak również transformacje genetyczne jako potencjalne źródła zmienności. Celem badań było określenie zdolności psianki ekwadorskiej (*Solanum quitoense* Lam.) do tworzenia pędów przybyszowych *in vitro*. Zastosowano fragmenty hipokotyli i liścienie całe oraz przecięte w poprzek na pół, które pobrano z siewek uzyskanych ze sterylnego wysiewu nasion i umieszczono na pożywce MS zawierającej $0,1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA oraz $0,5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP. Wyłożono także fragmenty międzywęźli oraz liście na dwie pożywki MS, zawierające $0,1 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA i $0,5 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP oraz $0,05 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ NAA i $1,0 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP. Regenerację pędów przybyszowych zaobserwowano jedynie na hipokotylach i międzywęźlach, podczas gdy eksplantaty liściowe najczęściej tworzyły u podstawy liczne korzenie przybyszowe. Na eksplantatach przygotowanych z hipokotyli najczęściej zachodziła organogeneza bezpośrednia, jednak nie uzyskano w jej wyniku więcej niż po jednym pędzie przybyszowym z eksplantatu. W przypadku fragmentów międzywęźli organogeneza zaczęła się znacznie wcześniej na pożywce zawierającej mniejsze stężenie regulatorów wzrostu. Zarówno na jednej, jak i drugiej pożywce uzyskano jednak niewielką liczbę pędów przybyszowych.

Stabilność genetyczna w mikrorozmnażaniu chryzantemy wielkokwiatowej

JOANNA WOJCIECHOWSKA, MALGORZATA ZALEWSKA

Katedra Roślin Ozdobnych i Warzywnych
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, UTP
ul. Bernardyńska 6/8, 85-029 Bydgoszcz

Mikrorozmnażanie to metoda rozmnażania klonalnego *in vitro*, gdzie wykorzystuje się morfogeny potencjał merystemów, jak i komórek zróżnicowanych – w oparciu o właściwą każdej komórce zdolność totipotencji. Cenione jest ono przede wszystkim ze względu na szybkość i produktywność. W mikrorozmnażaniu chryzantem metodą jednowęzłowych fragmentów pędu stosunkowo niski współczynnik namnażania rekompensowany jest gwarancją stabilności genetycznej, ponieważ w standardowej procedurze nie przewiduje się dodatku cytokiny na etapie namnażania. Celem pracy było zbadanie wpływu składu pożywki na stabilność genetyczną dziesięciu odmian chryzantemy wielkokwiatowej z grupy Lady. Jednowęzłowe fragmenty pędu wyłożono na pożywkę do namnażania (MS) oraz na stosowaną w metodzie pędów przybyszowych pożywkę MS uzupełnioną $2 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ IAA i $0,6 \text{ mg} \cdot \text{dm}^{-3}$ BAP. Po ośmiu tygodniach otrzymane pędy podzielono na fragmenty jednowęzłowe i przenoszono na pożywkę MS, jednocześnie pobrano liście do pomiaru zawartości DNA za pomocą cytometru przepływowego Partec CCA. Test Tukeya wykazał istotną różnicę w zawartości DNA pomiędzy mikrosadzonkami, które wyrosły na zastosowanych pożywkach u ‘Lady Salmon’ i ‘Lady Apricot’, co zostało następnie potwierdzone zmianą fenotypu w stadium pełni kwitnienia roślin. Dodatkowo, nieoczekiwanie u odmiany Lady Amber zmianie uległa także barwa kwiatostanu, z czego wynika, że za pomocą metody cytometrycznej nie wykryto niewielkich zmian w zawartości DNA.

Liczba komórek blastodermalnych wskaźnikiem wczesnego rozwoju embrionalnego ptaków

KAMILA SAMEK, MAREK BEDNARCZYK

Katedra Biotechnologii Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, UTP
ul. Mazowiecka 28. 85-084 Bydgoszcz

Selekcja jest nieodzownym elementem hodowli drobiu. Efekty presji selekcyjnej można zaobserwować już na poziomie embrionalnym. Najwcześniejszym możliwym etapem, na którym można ocenić wpływ selekcji na rozwój zarodka jest stadium X – (według Eyal-Giladi i Kochava). Na tym etapie tarczka zarodkowa składa się z pluripotentnych komórek blastodermalnych (BCs). Celem badań była ocena liczby BCs oraz komórek apoptycznych w X stadium rozwoju zarodkowego przepiórki japońskiej (*Coturnix japonica*), poddanej różnej presji selekcyjnej. Badano zarodki pochodzące z linii nieśnej, linii mięsnej oraz linii nieśnej selekcionowanej na podwyższoną zawartość cholesterolu w żółtku jaja (HCh). Dodatkowo badano wpływ zdolności reprodukcyjnej samców (wysoka lub niska) pokolenia rodzicielskiego na rozwój zarodka. Koncentrację BCs określono za pomocą hemocytometru Neubauera. W celu określenia udziału komórek apoptycznych zastosowano metodę magnetycznego sortowania komórek MACS (ang. *Magnetic Activated Cell Sorting*). W linii HCh wykazano istotne różnice ($P \leq 0,01$ lub $P \leq 0,05$) w koncentracji BCs (odpowiednio 384500 ± 63877 – dobra zdolność reprodukcyjna samców, 446071 ± 55372 – niska zdolność reprodukcyjna samców). Nie stwierdzono istotnych różnic w liczbie komórek apoptycznych, procentowym udziale komórek apoptycznych w całej populacji BCs oraz przeżywalności komórek. Porównanie linii HCh z linią nieśną wykazało istotne różnice w koncentracji BCs (odpowiednio 420416 ± 65506 – linia HCh, 235208 ± 71375 – linia nieśna), odsetku komórek apoptycznych ($17,1 \pm 8,6\%$ – linia HCh, $36,4 \pm 17,3\%$ – linia nieśna) oraz przeżywalności ($82,9 \pm 8,6\%$ – linia HCh, $66,0 \pm 13,3\%$ – linia nieśna). Odsetek komórek apoptycznych w linii nieśnej i mięsnej wyniósł odpowiednio $36,4 \pm 17,3\%$ i $64,2 \pm 10,2\%$.

Diagnostyka molekularna mutacji BLAD i DUMPS u bydła hodowlanego w województwie kujawsko-pomorskim

PAULINA ZWIEWKA, MARIA SIWEK

Katedra Biotechnologii Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, UTP
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Wrodzony niedobór leukocytarnych cząsteczek adhezyjnych (BLAD) jest autosomalną chorobą o charakterze recesywnym, wywołaną pojedynczą mutacją (A \rightarrow G) nukleotydu 383 w genie CD18. Mutacja objawia się obniżeniem poziomu ekspresji podjednostek β_2 -integryn, powodując nieprawidłowości w funkcjonowaniu leukocytów i ogólne obniżenie odporności organizmu. Liczne infekcje, zapalenia przewodu pokarmowego oraz układu oddechowego prowadzą do opóźnionego wzrostu i rozwoju cieląt. Dotknięte chorobą zwierzęta zwykle padają w pierwszych miesiącach życia. Innym przykładem autosomalnej choroby bydła o charakterze letalnym jest DUMPS – dziedziczny niedobór enzymu syntazy urydyno-5'-monofosforanu, powodowany pojedynczą mutacją (C \rightarrow T) w 5 eksonie kodonu 405. Zaburzony proces syntezy pirymidyn w komórkach macierzystych skutkuje zamieraniem homozygot zmutowanego genu około 40 dnia ciąży, w okresie implantowania się zarodka w macicy. Celem prezentowanych badań było opracowanie metodyki pozwalającej na wiarygodne zdiagnozowanie choroby, z wykorzystaniem narzędzi molekularnych. Wykorzystując metodę PCR-RFLP analizowano DNA uzyskane z cebulek włosowych 40 osobników. Zarówno w reakcji PCR, jak i późniejszych trawieniach enzymami restrykcyjnymi (BLAD – *TaqI*, DUMPS – *AvaI*) zastosowano kilka wariantów porównawczych, mających na celu ustalenie optymalnych warunków prowadzonych badań. Główne różnice dotyczyły składu mieszaniny reakcyjnej PCR oraz temperatury i czasu działania enzymów restrykcyjnych. Mimo licznych analiz nie udało się uzyskać wyników jednoznacznie potwierdzających bądź wykluczających występowanie mutacji u badanych osobników. Efekty przeprowadzonych badań świadczą o tym, że materiał DNA z cebulek włosowych nie jest odpowiedni do prowadzenia tego typu analiz genetycznych.

Polimorfizm genu białka prionowego owiec

KAROLINA DALECKA, AGNIESZKA MARKOWSKA,
EWA WIŚNIEWSKA, SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, UTP
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Trzęsawka (scrapie) jest chorobą prionową owiec i kóz, należąca do grupy pasażowalnych encefalopatii gąbczastych (TSE). Gen białka prionowego (*PRNP*) warunkuje kodowanie białka prionowego komórkowego (PrP^c). Polimorfizm tego genu, występujący w kodonach 136, 154 i 171, jest ściśle związany z opornością/podatnością owiec na trzęsawkę. Badania prowadzone nad owczym genem białka prionowego potwierdzają występowanie polimorfizmu w około 30 tripletach. Celem pracy było wykrycie polimorfizmów w genie PrP owiec w kodonie 127 (walina/seryna/glicyna), 151 (cysteina/arginina), 171 (lizyna) i 189 (glutamina/leucyna). Badaniami objęto 74 owce rasy merynos polski: 72 samice oraz 2 samce. Zwierzęta pochodziły z terenów województwa kujawsko-pomorskiego. Materiał biologiczny do badań stanowiła krew obwodowa owiec pobrana z żyły jarzmowej. DNA izolowano za pomocą zestawu MasterPure™ DNA Purification Kit for Blood (Fermentas). W celu wykrycia zmienności w genie PrP w kodonach 127, 151, 171 i 189 zastosowano metodę PCR-RFLP, przy użyciu enzymów restrykcyjnych dla kodonów: 127 *Hae*III, 151 *Ava*II, 171 *Mbo*I i 189 *Alu*I. Badana populacja zwierząt była monomorficzna. Nie wykazano żadnej zmienności w analizowanych kodonach. Wszystkie zwierzęta posiadały genotyp $V_{127}C_{151}X_{171}Q_{189}/V_{127}C_{151}X_{171}Q_{189}$ (gdzie X w kodonie 171 oznacza brak występowania mutacji odpowiedzialnej za kodowanie aminokwasu lizyny K).

Polimorfizm genu receptora prolaktyny i jego wpływ na cechy rozrodu loch rasy wielka biała polska

**JUDYTA GADZINOWSKA, AGATA MILCZEWSKA,
SŁAWOMIR MROCZKOWSKI**

Katedra Genetyki i Hodowli Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, UTP
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Świnia domowa jest jednym z ważniejszych gatunków zwierząt gospodarskich pod względem liczebności pogłowia na świecie i w Polsce. Intensyfikacja produkcji świń wywiera także wpływ na postęp w badaniach nad ich genomem, co obecnie pozwala na identyfikację poszczególnych polimorficznych loci genów, które mają związek między innymi z reprodukcją gatunku. Materiał do badań stanowiło 88 loch rasy wielka biała polska (wbp), pochodzących ze stad będących pod kontrolą Polskiego Związku Hodowców i Producentów Trzody Chlewnej „POL SUS” regionu kujawsko-pomorskiego. Polimorfizm genu receptora prolaktyny określono metodą PCR-RFLP, poddając produkty PCR trawieniu restryktazą *AhaI*, identyfikując dwa allele genu *PRLR* (A i B) oraz trzy genotypy: AA, AB i BB. Wśród badanych loch rasy wbp największy udział miały zwierzęta o genotypie BB/*PRLR* (frekwencja 0,39), zbliżone frekwencje wykazywały homozygoty AA/*PRLR* (frekwencja 0,35). Najmniej liczną grupę stanowiły natomiast heterozygoty AB/*PRLR*, a ich frekwencja wynosiła 0,26. Lochy o genotypie AA/*PRLR* (12 szt.) oraz BB/*PRLR* (11 szt.) rodziły i odchowwały nieco liczniejsze mioty w porównaniu z heterozygotami AB/*PRLR* (9 szt.). W grupie badanych loch najkrótszy okres międzymiotu odnotowano u heterozygot AB/*PRLR* (168 dni).

Polimorfizm genu kalpastatyny (CAST) w populacji merynosa polskiego

DOROTA GOŁĘBIEWSKA, MAGDALENA SZKUDLAREK-KOWALCZYK,
SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, UTP
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Kalpastatyna jest specyficznym inhibitorem kapalin. Białka te, przy niskich stężeniach jonów wapnia, tworzą kompleks kalpaina-kalpastatyna (CCS), który obecny jest w tkankach ssaków i wykazuje aktywność w okresie ich wzrostu i rozwoju w okresie postnatalnym oraz w proteolizie białek *post mortem*, decydując o cechach jakości mięsa: kruchości, wiązaniu wody, wycieku naturalnym. Celem badań było określenie polimorfizmu genu kalpastatyny w populacji merynosa polskiego. Materiałem badawczym było genomowe DNA, wyizolowane z krwi obwodowej 80 owiec, pochodzących ze stada utrzymanego na terenie województwa kujawsko-pomorskiego. Polimorfizm genu CAST określano stosując metodę PCR-RFLP wg Palmera i in. (1998). W tym celu amplifikowano fragment egzonu 1C/1D CAST o wielkości 622pz. Następnie produkt amplifikacji poddano trawieniu enzymami restrykcyjnymi *MspI*, *Hin6* (Fermentas) oraz *NcoI* (New England BioLabs). Rozdział produktów trawienia oraz markera pUC19 DNA/*MspI* (Fermentas) prowadzono na 1,5% żelu agarozowym z dodatkiem barwnika Midori Green (Nippon) przez 90 minut. Następnie obliczono frekwencję alleli i genotypów w badanej populacji zwierząt. Przeprowadzona analiza wykazała obecność dwóch alleli M i N w locus CAST/*MspI* i allele M w locus CAST/*NcoI* oraz alleli A i B w locus CAST/*Hin6*. Z największą frekwencją występował allel M/*NcoI* (100%), A/*Hin6* (78,1%) oraz M/*MspI* (71,3%). Genotypami o najwyższych frekwencjach okazały się: MM/*NcoI* (100%), MM/*MspI* (50%) oraz AA/*Hin6* (62,5%), przy czym frekwencja genotypu MN/*MspI* była porównywalna z MM/*MspI* i wynosiła 42,5%, natomiast frekwencja genotypu AB/*Hin6* wyniosła 31,3%.

Polimorfizm genu leptyny w populacji koni zimnokrwistych

DAWID FRYMARSKI, MARTA BOHACZYK, SŁAWOMIR MROCZKOWSKI

Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, UTP
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Gen leptyny (LEP) odpowiada za ekspresję białkowego hormonu leptyny. Pełni ona w organizmie zwierzęcym wiele ważnych funkcji metabolicznych, reprodukcyjnych i odpornościowych. U koni i innych gatunków mutacje w genie LEP prowadzą do niewłaściwego wydzielania leptyny. Mogą one zatem wywierać silny, niekorzystny wpływ na wiele cech użytkowych. Celem podjętych badań była analiza polimorfizmu genu LEP w populacji koni zimnokrwistych. Materiałem badawczym była krew obwodowa pobrana z żyły jarzmowej. Izolację DNA przeprowadzono z użyciem kitu MasterPure™ DNA (Epicentre Technologies). Badania wykonano metodą PCR-RFLP. Amplifikację fragmentu DNA długości 1700 pz prowadzono w zoptymalizowanych warunkach chemicznych i termicznych. W wyniku analizy restrykcyjnej enzymem *TaqI* uzyskano fragmenty restrykcyjne długości: 961 i 739 pz dla genotypu AA, 961, 739, 668 i 293 pz dla AB oraz 739, 668 i 293 pz dla BB. Obliczono frekwencje genów i genotypów LEP w całej badanej populacji oraz z uwzględnieniem płci osobników. Dla populacji w ujęciu łącznym wynosiła ona odpowiednio: 41% dla genu A oraz 59% dla B. W grupie ogierów uzyskano frekwencje: 44% dla allela A i 56% dla B; dla klaczy zaś: 38% dla genu A i 62% dla B. Częstości genotypów AA, AB oraz BB leptyny dla całej badanej populacji wynosiły odpowiednio: 12, 58 oraz 30%. W grupie ogierów częstość genotypów wynosiła odpowiednio: 16, 56 oraz 28%; w populacji klaczy natomiast: 8, 60 i 32%. Porównano obserwowane frekwencje genotypów z ich częstościami oczekiwanymi, wynikającymi z prawa Hardy'ego-Weinberga. Stwierdzono, że analizowane grupy pozostawały w stanie równowagi genetycznej pod względem genu LEP ($p \leq 0,01$). Brak równowagi stwierdzono jedynie w populacji klaczy ($p \leq 0,05$). Potwierdzają to uzyskane wartości testu χ^2 .

Ocena stanu mikrobiologicznego powietrza w centrum Bydgoszczy i dzielnicy Fordon

AGNIESZKA DZIĘGIEL, MARTA MAŁECKA-ADAMOWICZ,
WOJCIECH DONDESKI

Zakład Mikrobiologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych, UKW
ul. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Powietrze nie jest naturalnym środowiskiem bytowania drobnoustrojów. Jest ono jedynie miejscem ich okresowego przebywania i ośrodkiem umożliwiającym przemieszanie się. Mimo to, mikroflora jest w nim nieustannie obecna. Drobnoustroje dostają się do powietrza z gleby, z wydzielin zwierząt, wód płynących i stojących oraz z górnych dróg oddechowych człowieka. Celem pracy była ilościowa i jakościowa ocena stanu mikrobiologicznego powietrza w centrum Bydgoszczy oraz w dzielnicy Fordon. Badania obejmowały oznaczenie ogólnej liczby bakterii heterotroficznych, gronkowców, bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*, bakterii z rodzaju *Escherichia coli*, *Pseudomonas fluorescens*, promieniowców oraz grzybów pleśniowych. Poboru prób dokonywano w cyklu sezonowym za pomocą dwóch metod badawczych: sedymentacyjnej i zderzeniowej. Po izolacji szczepów bakteryjnych określono ich morfologię oraz oporność na wybrane antybiotyki. Badania mikrobiologiczne wykazały, że wśród mikroflory powietrza najliczniej występowały bakterie heterotroficzne, nieco mniej liczną grupę stanowiły grzyby pleśniowe, zaś bakterie z rodziny *Enterobacteriaceae* i bakterie z rodzaju *Escherichia coli* były nieliczne wśród ogółu mikroflory. Najwięcej drobnoustrojów stwierdzono w centrum Bydgoszczy przy ulicy Gdańskiej. Wśród grzybów pleśniowych dominowały grzyby z rodzaju *Cladosporium* z *Dematiaceae* (78%), *Alternaria* (7%), *Fusarium* (9%), *Penicillium* (4%) i inne (2%).

Wpływ zastosowania różnych form azotu oraz pożywek mineralnych na przebieg i wydajność fermentacji alkoholowej oraz skład lotnych produktów ubocznych

BEATA GÓRSKA, DAWID MIKULSKI, GRZEGORZ KŁOSOWSKI

Zakład Biotechnologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych, UKW
ul. Chodkiewicza 51, 85-667 Bydgoszcz

Przebieg fermentacji alkoholowej z udziałem drożdży *Saccharomyces cerevisiae* jest uzależniony od dostępności wielu związków biogenych. Źródło przyswajalnego azotu jest niezbędne nie tylko do uzyskania właściwej biomasy komórek, ale determinuje również ich aktywność metaboliczną oraz wywiera wpływ na skład lotnych produktów ubocznych fermentacji, decydujących o cechach sensorycznych spirytusu i napojów alkoholowych. Celem badań było określenie wpływu azotu aminowego i amonowego na przebieg i wydajność fermentacji oraz jakość destylatów. Modelowe podłoża na bazie glukozy 17% w/v wzbogacano o źródło azotu w formie aminowej (ekstrakt drożdżowy) oraz mieszaninę soli amonowych $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ i $(\text{NH}_4)_2\text{HPO}_4$ w różnych proporcjach. Oceniano uzyskane stężenie etanolu, produktywność i wydajność fermentacji, ekstrakt pozorny i rzeczywisty. Skład lotnych produktów ubocznych fermentacji w destylatach badano metodą kapilarnej chromatografii gazowej na urządzeniu firmy Hewlett Packard serii 6890 z wysokopolarną kolumną Chrompack CP-Wax 57CB o długości 50 m i średnicy 0,32 mm. Stwierdzono, że niezależnie od zastosowanej dawki wzbogacenie podłoża w źródło azotu aminowego pozwala na uzyskanie najwyższego stężenia etanolu (9,9% v/v) oraz maksymalnej wydajności etanolu na poziomie 58,24 L_{EtOH}/100 kg glukozy. Jednocześnie zaobserwowano wzrost produktywności fermentacji w poszczególnych fazach. Zamiana formy aplikowanego azotu z aminowej na wyłącznie amonową spowodowała istotny spadek stężenia etanolu o ok. 4,5% v/v i pogorszenie pozostałych wskaźników procesu. W zależności od zastosowanej formy azotu oraz dodatków mineralnych, stwierdzono istotne różnice w stężeniach lotnych produktów ubocznych fermentacji, w szczególności alkoholi wyższych (fuzlowych), aldehydu octowego oraz octanu etylu.

Analiza występowania krążących kompleksów immunologicznych w surowicach zwierząt hodowlanych

KRZYSZTOF SONDEJ, ALEKSANDRA SZULCZEWSKA, RYSZARD GOLDA

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych, UKW
ul. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Krążące kompleksy immunologiczne (KKI) są wynikiem reakcji układu odpornościowego na pojawianie się w organizmie immunogenów zewnątrzpochodnych i/lub wewnątrzpochodnych. Źródłem antygenów wewnątrzpochodnych mogą być np. komórki nowotworowe, uwalniające złuszczone białka błonowe czy produkty komórkowego rozpadu. Z kolei do grupy antygenów zewnątrzpochodnych mogą należeć białka wirusowe, bakteryjne, mykoantygeny, toksyny, białka z błon komórkowych pasożytów. Duża różnorodność antygenowa determinuje złożoność budowy KKI, co utrudnia ich charakterystykę. Izolacja KKI z surowic badanych zwierząt, dysocjacja i identyfikacja ich części antygenowej, może stanowić podstawę do różnicowania populacji osobników zdrowych od chorych, a w obrębie chorych może dostarczać informacji na temat aktywności procesu chorobowego. Celem pracy było przedstawienie zestawu wybranych procedur laboratoryjnych, umożliwiających łatwą wstępną analizę ilościową oraz jakościową, czyli określenie występowania atypowych białek w obrębie krążących kompleksów immunologicznych, wyizolowanych z surowic zwierząt. Poziomy kompleksów immunologicznych w surowicach określono metodą Haskowej. Opisano sposób izolacji, dysocjacji KKI oraz metody jakościowe (elektroforeza SDS-PAGE) wstępnie charakteryzujące składowe immunokompleksów, pochodzące od osobników zdrowych i chorych.

Próba izolacji i analizy występowania krążących kompleksów immunologicznych w mleku krowim

ALEKSANDRA SZULCZEWSKA, KRZYSZTOF SONDEJ, RYSZARD GOŁDA

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Instytut Biologii Eksperymentalnej
Wydział Nauk Przyrodniczych, UKW
ul. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Mleko stanowi pokarm dla osesków. Jest ono również podstawą biernej nabytej odporności u noworodków ssaków. Zawiera ono immunoglobuliny specyficzne dla antygenów występujących w środowisku bytowania krowy oraz inne elementy układu immunologicznego, jak cytokiny czy komórki żerne. Występujące w mleku składowe układu odpornościowego stanowią także ochronę dla samego gruczołu mlekowego, który jest idealnym środowiskiem dla rozwoju patogenów ze względu na pożywność wydzieliny, odpowiednią temperaturę oraz łatwy dostęp podczas laktacji. Odzwierciedleniem patologicznych zmian w obrębie zarówno gruczołu mlekowego, jak i ogólnoustrojowej walki z patogenem, jest powstawanie kompleksów immunologicznych. Ze względu na skład mleka oraz jego znaczenie w rozwoju noworodka, a także dostępność materiału badawczego, celowym jest przeprowadzenie analizy występowania i składu krążących kompleksów immunologicznych izolowanych z krowiego mleka. Analizowano próby mleka od krów zdrowych oraz z infekcją gruczołu mlekowego – mastitis, uzyskane dzięki uprzejmości Państwowego Instytutu Weterynarii, oddział w Bydgoszczy.

Wpływ łagodnej hipertermii na morfologię komórek linii białaczek ludzkich HL-60 i K-562

KORYNA KRÓLIKOWSKA, ALINA GRZANKA

Katedra i Zakład Histologii i Embriologii
Wydział Lekarski, Collegium Medicum UMK
ul. Karłowicza 24, 85-092 Bydgoszcz

Hipertermia to stan podwyższonej temperatury obejmujący cały organizm lub jedynie jego część, a w odniesieniu do pojedynczej komórki oznaczający wystąpienie temperatury wyższej od optymalnej dla danej linii komórkowej. Obecnie stan ten wywołuje się celowo poprzez podnoszenie temperatury komórek i tkanek nowotworowych do 40-46°C, w celu ich zniszczenia lub zahamowania wzrostu. Wcześniejsze badania potwierdzają, że hipertermia prowadzi zarówno do zmian fizjologicznych, jak i strukturalnych w komórkach wszystkich organizmów. Zmiany te dotyczą przede wszystkim zaburzenia homeostazy jonowej komórki, organizacji chromatyny, regulacji ekspresji genów oraz syntezy kwasów nukleinowych i białek, a także dysfunkcji błon komórkowych i cytoszkieletu. Dowiedziono również, że wysoka temperatura może prowadzić do śmierci komórek nowotworowych, bez ryzyka uszkodzenia tkanek zdrowych. Celem badań była ocena wpływu łagodnej hipertermii na morfologię komórek linii białaczek ludzkich. Materiał stanowiły linie komórkowe HL-60 i K-562 traktowane temperaturą 40°C przez 2h. Po zakończeniu działania temperatury, komórki zostały pozostawione na 3h i 6h w celu ich regeneracji. Kontrolę stanowiły komórki obu linii nie poddawane działaniu podwyższonej temperatury. Oceniano przeżycie komórek oraz ich morfologię przy użyciu mikroskopu świetlnego, a także ultrastrukturę na poziomie mikroskopu elektronowego. Obserwowano komórki zmienione, o fenotypach apoptozy, wtórnej nekrozy oraz katastrofy mitotycznej. Wraz ze wzrastającym czasem regeneracji, wzrastała ilość komórek zmienionych, a także malała ich przeżywalność. Uzyskane wyniki wykazały możliwość stosowania nieznacznie podwyższonej temperatury w terapii nowotworowej.

Wpływ trójtlenku arsenu na ekspresję białka aktyny w linii komórkowej CHO AA8

DAWID LEWANDOWSKI, ALINA GRZANKA

Katedra i Zakład Histologii i Embriologii
Wydział Lekarski, Collegium Medicum UMK
ul. Karłowicza 24, 85-092 Bydgoszcz

Szkielet komórkowy określany jest jako sieć włóknistych struktur białkowych występujących w komórkach eukariotycznych. Jednym z trzech głównych elementów cytoszkieletu są filamenty aktynowe, które mają wpływ na wzrost, proliferację i różnicowanie komórek, a także na ich kształt, przyleganie do podłoża oraz endocytozę. Z klinicznego punktu widzenia najistotniejszy wydaje się jednak udział cytoszkieletu aktynowego w kontrolowanej śmierci komórki. Celem badań było określenie wpływu trójtlenku arsenu (ATO) na aktynę w linii komórkowej CHO AA8. Ze względu na fakt mutacji w obrębie genu supresorowego p53 istotne było również określenie rodzaju indukowanej śmierci. Po 24-godzinnej hodowli komórki poddano działaniu wzrastających stężeń trójtlenku arsenu (1; 2; 3 $\mu\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$). Kontrolę stanowiły komórki nie traktowane cytostatykiem. Pierwszym etapem badań było określenie morfologii komórek w mikroskopie świetlnym (metoda HE). Rozmieszczenie oraz reorganizację filamentów aktynowych określano wykorzystując Alexa fluor 488 phalloidin (Invitrogen) i obserwowano w mikroskopie fluorescencyjnym. Natomiast zmiany na poziomie ultrastrukturalnym obserwowano w transmisyjnym mikroskopie elektronowym po wcześniejszym wyznakowaniu aktyny złotem skoniugowanym ze streptawidyną. Wyniki przeprowadzonych doświadczeń wskazują na zależny od dawki wpływ ATO na przeżycie, morfologię, ultrastrukturę oraz organizację szkieletu aktynowego. Zmienione morfologicznie komórki wykazywały cechy fenotypowe charakterystyczne dla apoptozy i katastrofy mitotycznej.

Koło Naukowe Biotechnologii

Koło Naukowe Biotechnologii „BIOX” powstało w 2001 roku, z inicjatywy studentów kierunku Biotechnologia Wydziału Rolnictwa Akademii Techniczno-Rolniczej w Bydgoszczy (obecnie Wydział Rolnictwa i Biotechnologii Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego w Bydgoszczy). Siedzibą Koła jest Katedra Genetyki i Biotechnologii Roślin, a funkcję opiekuna pełni prof. dr hab. inż. Elwira Śliwińska.



W roku akademickim 2010/2011 w pracach Koła uczestniczy 20 studentów biotechnologii, którym przewodniczy Katarzyna Koczwara. Działalność Koła to przede wszystkim realizacja projektów badawczych oraz organizacja i uczestnictwo w wykładach, seminariach i konferencjach naukowych o tematyce biotechnologicznej. Ponadto, praca w Kole umożliwia studentom podnoszenie poziomu wiedzy teoretycznej oraz umiejętności praktycznych, wdraża do pracy naukowej, a tym samym podnosi ich kwalifikacje zawodowe. Od 2001 roku Koło zrealizowało sześć projektów badawczych, które zostały zaprezentowane na krajowych konferencjach. Aktualnie prowadzone są prace nad projektem „Inhibitory wybarwiania w oznaczaniu wielkości genomów roślin metodą cytometrii przepływowej”.

Ważnym punktem działalności Koła Naukowego Biotechnologii jest organizacja corocznej konferencji „Biotechnologia: dziś na Uniwersytecie Technologiczno-Przyrodniczym”, jutro w regionie kujawsko-pomorskim”, która umożliwia prezentację tematyki prac magisterskich studentów kierunku biotechnologia. Tegoroczna Konferencja jest już dziewiątą z tego cyklu, a od kilku lat aktywnie uczestniczą w niej również magistranci Instytutu Biologii Eksperymentalnej Uniwersytetu Kazimierza Wielkiego w Bydgoszcy.

Zainteresowanych działalnością Koła zapraszamy
na stronę internetową

<http://wr.utp.edu.pl/knb/>





Biblioteka Główna UTP w Bydgoszczy

97189

